

Name	Aptmaer	In the Fifth round			In the Second round			Enrichment (%)
		Ranking	Repeat times	abundance (%)	Rankin g	Repeat times	abundance (%)	
apt-1	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	1	63218	3.86	2	2144	0.19	20.47
apt-2	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTGACACTATCGCACAGTCG	2	42480	2.59	1	2164	0.19	13.63
apt-3	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	3	35472	2.16	3	2090	0.18	11.79
apt-4	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATTCCTTCTACCG	4	28375	1.73	4	1972	0.17	9.99
apt-5	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCACACAGTCG	5	21248	1.30	7	857	0.08	17.22
apt-6	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACTCCCTCTACCG	6	14669	0.90	6	905	0.08	11.26
apt-7	GGAGCAAGGCGACCTGGCCACAAGCAAACCCACTTCGCC	7	11767	0.72	17	401	0.04	20.38
apt-8	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCAAGTGGT	8	8318	0.51	8	675	0.06	8.56
apt-9	GAGCAACGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	9	8274	0.50	23	244	0.02	23.55
apt-10	GGGAGGCGGGTGGGTCGTCGGGGTGCCTCGTTCTGTGTGG	10	8136	0.50	12	587	0.05	9.62
apt-11	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCACTCCTTCTGCCG	11	7743	0.47	15	465	0.04	11.56
apt-12	GAGCAACGCGACTGTCTGAAACAATCTGGCATCTGGTGGT	12	5872	0.36	13	534	0.05	7.64
apt-13	GGCACATTGCAGGGGAGGCGGGTGGGGATGCATCGGCCCG	13	5867	0.36	16	434	0.04	9.39
apt-14	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCGTTGGC	14	5801	0.35	9	661	0.06	6.09
apt-15	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCATTGGC	15	5511	0.34	10	660	0.06	5.80
apt-16	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCATTAGC	16	5505	0.34	11	655	0.06	5.84
apt-17	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTGCATCCACACCTTTTGTGCG	17	5424	0.33	20	287	0.03	13.12
apt-18	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTATCGCACAGTCG	18	5161	0.31	30	162	0.01	22.12
apt-19	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCTAGTGGT	19	4506	0.27	26	203	0.02	15.41
apt-20	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTAACACTATCGCACAGTCG	20	4475	0.27	25	212	0.02	14.66
apt-21	GGGACGGAACGGACCCTGCCAACACAAGCCGAATGTGCTC	21	4008	0.24	54	70	0.01	39.76
apt-22	GAGCAACGCGACTGTCCGGACCAATCTGGCACCTGGTGGT	22	3651	0.22	39	87	0.01	29.14
apt-23	CACGTAGGGCTGGCCGGTCTCAGGATTGTACTACGGATG	23	3634	0.22	14	470	0.04	5.37
apt-24	GGGAGGCGGGCGGGTGGCTTGCGGTCAGCGTTATGTGCGG	24	3442	0.21	22	267	0.02	8.95
apt-25	GAGCAACGCGACTGTCTGGACCAATCTGACATTTAGTGGT	25	3187	0.19	21	269	0.02	8.23
apt-26	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACATCCGTTGGC	26	3039	0.19	19	323	0.03	6.53
apt-27	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTACC	27	3036	0.19	24	222	0.02	9.50
apt-28	GAGCAGCGCGACTGTCCGAACCAAAGTACATCTGGCGGT	28	2934	0.18	45	82	0.01	24.85
apt-29	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCTACTCCTTCTGCCG	29	2692	0.16	33	121	0.01	15.45
apt-30	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGCCGTTGCCA	30	2568	0.16	18	359	0.03	4.97
apt-31	GAGCAGCGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	31	2336	0.14	60	64	0.01	25.35
apt-32	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTACC	32	2294	0.14	38	106	0.01	15.03
apt-33	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAACTGGCATCTGGTGGT	33	2089	0.13	37	106	0.01	13.68
apt-34	ATCGGAAGAGCGTCGTGTAGGGAAAGAGTGTAGATCTCGG	34	2057	0.13	5	1501	0.13	0.95
apt-35	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCACTCCCTCTACCG	35	1921	0.12	51	75	0.01	17.79

apt-36	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCCTAACACTACCACACAGTCG	36	1687	0.10	65	50	0.00	23.43
apt-37	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCCGACATCTGGTGGT	37	1680	0.10	40	87	0.01	13.41
apt-38	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCCTAACACTATCACACAGTCG	38	1485	0.09	58	65	0.01	15.86
apt-39	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCTGGTGGT	39	1393	0.09	61	58	0.01	16.68
apt-40	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGGC	40	1358	0.08	41	87	0.01	10.84
apt-41	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCATTGGC	41	1329	0.08	44	83	0.01	11.12
apt-42	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCCTCCTTCTGCCA	42	1283	0.08	27	193	0.02	4.62
apt-43	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCCTCCTTCTACCG	43	1264	0.08	73	46	0.00	19.08
apt-44	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTGACACTATCGCACAGTCG	44	1257	0.08	76	44	0.00	19.84
apt-45	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCATTAGC	45	1208	0.07	56	67	0.01	12.52
apt-46	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACCCCTTCTGCCG	46	1203	0.07	66	50	0.00	16.71
apt-47	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTGCATCCCCTTCTTCTGTCTG	47	1197	0.07	59	65	0.01	12.79
apt-48	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCCTCCTTCTGCCG	48	1114	0.07	75	45	0.00	17.19
apt-49	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGCCGTTGCCA	49	1102	0.07	36	108	0.01	7.09
apt-50	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGGC	50	1070	0.07	32	130	0.01	5.72
apt-51	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCATTCTTCTACCG	51	1007	0.06	69	49	0.00	14.27
apt-52	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAACCTGACATCTAGTGGT	52	989	0.06	85	35	0.00	19.62
apt-53	GAGCAACGCGACTGTCCGGACCAATCTGGCATCTGGTGGT	53	924	0.06	145	16	0.00	40.10
apt-54	GACACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAACGCGAC	54	888	0.05	49	78	0.01	7.91
apt-55	CACGAAGGGCTGGCCAGGCTTCAGGGCTATACTCCAGACC	55	872	0.05	103	26	0.00	23.29
apt-56	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	56	870	0.05	91	31	0.00	19.49
apt-57	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCGTTGGC	57	851	0.05	86	35	0.00	16.88
apt-58	GACACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAGCGCGAC	58	848	0.05	35	116	0.01	5.08
apt-59	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTACC	59	834	0.05	70	48	0.00	12.06
apt-60	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCCTCCTTCTACCG	60	833	0.05	78	39	0.00	14.83
apt-61	GACACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGGCGTAGCACTG	61	820	0.05	53	72	0.01	7.91
apt-62	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACATCCGTTGGC	62	816	0.05	68	49	0.00	11.56
apt-63	GAGCAGCGCGACTGTCCGAACCAATCCGCCATCTAGTGGT	63	773	0.05	159	15	0.00	35.78
apt-64	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACATCCCCTCCTTCTACCG	64	772	0.05	82	37	0.00	14.49
apt-65	CACGAAGGGCTGGCCGGGTCTCAGGATTGTACTACGGATG	65	766	0.05	67	49	0.00	10.86
apt-66	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACATTATCGCACAGTCG	66	736	0.04	110	25	0.00	20.44
apt-67	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATTCTTCTGCCG	67	723	0.04	96	30	0.00	16.73
apt-68	GACACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGTGCGAAGCGCC	68	705	0.04	48	79	0.01	6.20
apt-69	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACACCGTTGCCA	69	696	0.04	46	82	0.01	5.89
apt-70	CACGAAGGGCTGGCCAGGTTTCAGAGTCATACTCCAGATG	70	695	0.04	31	132	0.01	3.66
apt-71	GAGCAACGCGACTGTCTAAACCAATCTGACATCTAGTGGT	71	666	0.04	57	66	0.01	7.01
apt-72	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCCGCCATCTAGTGGT	72	653	0.04	114	22	0.00	20.61
apt-73	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCGATCCGCCATCTAGTGGT	73	634	0.04	213	11	0.00	40.02

apt-74	CACGAAGGGCTGGCCGAACCTCAAGGACGTACTCTAGACC	74	627	0.04	89	31	0.00	14.04
apt-75	CACGGAGGGCTGGCCAGGCTTCAAGATCGTGCTCCAGATG	75	627	0.04	29	168	0.01	2.59
apt-76	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCACACAGTCG	76	618	0.04	100	29	0.00	14.80
apt-77	CCCGGAGGGATGGCCAGGCTTCAAGATCGTGCTCCAGATG	77	609	0.04	122	20	0.00	21.14
apt-78	GGGAGGCGGGTGGGGCTGCTGCACAGTGTGTTACGGTTGG	78	607	0.04	42	86	0.01	4.90
apt-79	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTACCACACAGTCG	79	595	0.04	150	16	0.00	25.82
apt-80	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCAAGTGGT	80	576	0.04	158	15	0.00	26.66
apt-81	CACGAAGGGCTGGCCGGGTTTCAGAGTCATACTCCAGTCG	81	573	0.03	28	172	0.02	2.31
apt-82	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATTCCCTCTACCG	82	550	0.03	93	31	0.00	12.32
apt-83	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAACCTGGCATCTGGTGGT	83	534	0.03	111	24	0.00	15.45
apt-84	GGCGTAGCACTGTCCCATTTCCGACACTATCGCACAGTCG	84	530	0.03	175	14	0.00	26.29
apt-85	GCGAGGTACGAGCCTGGACACGCACAATACGTCCGTTGGC	85	510	0.03	64	50	0.00	7.08
apt-86	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGGCATCTGGTGGT	86	500	0.03	81	38	0.00	9.14
apt-87	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTAGC	87	490	0.03	98	29	0.00	11.73
apt-88	GTGCGAAGCGCCTGTACCGTACACCCACCCCTTTTGCCG	88	485	0.03	178	14	0.00	24.06
apt-89	GAGCAACGCGACTGTCTGGGCAACCTGACATCTAGTGGT	89	471	0.03	124	20	0.00	16.35
apt-90	GAGCAACGCGACTGTCTGAACGAATCTGACATCTGGTGGT	90	464	0.03	250	9	0.00	35.80
apt-91	GGGAGGTGGGTGGGCGTGCCATACGTGACGGCTACTGTGG	91	458	0.03	50	78	0.01	4.08
apt-92	GACGGGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAACGCGAC	92	457	0.03	90	31	0.00	10.24
apt-93	GAGCAACGCGACTGTCCGAACCAAACTGACATCTGGCGGT	93	454	0.03	123	20	0.00	15.76
apt-94	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTACCGCACAGTCG	94	453	0.03	105	26	0.00	12.10
apt-95	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCGTCTAGTGGT	95	451	0.03	134	18	0.00	17.40
apt-96	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCATTGGC	96	448	0.03	116	22	0.00	14.14
apt-97	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCATTGGC	97	447	0.03	107	25	0.00	12.42
apt-98	GAGCAGCGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCAAGTGGT	98	446	0.03	254	9	0.00	34.41
apt-99	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCCTCCCTCTGCCG	99	440	0.03	106	26	0.00	11.75
apt-100	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTAACGCTGTGCGCACAGTCA	100	436	0.03	88	33	0.00	9.17
apt-101	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCATTAGC	101	432	0.03	112	24	0.00	12.50
apt-102	GGCGCAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCACAGTCG	102	418	0.03	109	25	0.00	11.61
apt-103	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAACTGACATCTGGTGGT	103	417	0.03	131	18	0.00	16.09
apt-104	GAGCAGCGCGACTGTCCGACCAATCTGGCACCTGGTGGT	104	413	0.03	443	6	0.00	47.80
apt-105	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATAACACTCCCTCTACCG	105	392	0.02	97	30	0.00	9.07
apt-106	GAGCAGCGCGACTGTCTGAAACAATCTGGCATCTGGTGGT	106	391	0.02	148	16	0.00	16.97
apt-107	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACATCCGTTGGC	107	391	0.02	47	81	0.01	3.35
apt-108	GACGGGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAGCGCGAC	108	389	0.02	77	41	0.00	6.59
apt-109	GACGGGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGGCGTAGCACTG	109	384	0.02	80	38	0.00	7.02
apt-110	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCTAACACCATCGCACAGTCG	110	380	0.02	187	13	0.00	20.30
apt-111	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTTGTTGGC	111	375	0.02	99	29	0.00	8.98

apt-112	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACGTCCCCTCTGCCG	112	370	0.02	359	7	0.00	36.70
apt-113	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCCTCTGCCG	113	369	0.02	241	10	0.00	25.62
apt-114	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCCGACACTATCGCACAGTCG	114	368	0.02	262	9	0.00	28.39
apt-115	GACGGGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGTGCGAAGCGCC	115	367	0.02	84	35	0.00	7.28
apt-116	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTAGC	116	356	0.02	71	48	0.00	5.15
apt-117	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCGTTACC	117	354	0.02	171	14	0.00	17.56
apt-118	GGGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	118	352	0.02	128	19	0.00	12.86
apt-119	GTGCGAAGCGCCTGGACCGCACATCCCATTCTTCTACCG	119	347	0.02	95	30	0.00	8.03
apt-120	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	120	340	0.02	323	7	0.00	33.73
apt-121	GAGCAACGCGACTGTCTGAACGAATCTGACATCAAGTGGT	121	336	0.02	193	12	0.00	19.44
apt-122	GGGAGGCGGGTGGGCCATATTTCGAGATCTTTGTCTGTGC	122	334	0.02	43	84	0.01	2.76
apt-123	CACGAAGGGCTGGCCAGGCTTCAGGGTCGTAATCCAGACC	123	320	0.02	23903	3	0.00	74.07
apt-124	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGTCAATCCGCCATCTAGTGGT	124	316	0.02	214	11	0.00	19.95
apt-125	GAGCAACGCGACTGTCTGAACGAATCTGACATCTAGTGGT	125	314	0.02	277	8	0.00	27.25
apt-126	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTATCACACAGTCG	126	314	0.02	263	9	0.00	24.23
apt-127	CACGAAGGGCTGGCCGGGTTTCAGGGTCATACTTCAGTCG	127	307	0.02	52	74	0.01	2.88
apt-128	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACATCCTACTCCTTCTGTGC	128	306	0.02	101	29	0.00	7.33
apt-129	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACGTCTAGTGGT	129	303	0.02	133	18	0.00	11.69
apt-130	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCCTCTTTTGCCG	130	302	0.02	496	6	0.00	34.95
apt-131	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCATTAGC	131	298	0.02	142	17	0.00	12.17
apt-132	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTTCGTTGGC	132	292	0.02	62	57	0.01	3.56
apt-133	GAGCAGTGCAGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	133	291	0.02	5275	4	0.00	50.52
apt-134	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGGC	134	289	0.02	136	18	0.00	11.15
apt-135	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCACCTAGTGGT	135	285	0.02	147	16	0.00	12.37
apt-136	GAGCAGCGCGACTGTCCGAACCAAACCTGACATCTGGCGAT	136	283	0.02	321	7	0.00	28.07
apt-137	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCGTTGGC	137	283	0.02	92	31	0.00	6.34
apt-138	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATAGGTCCGTTGGC	138	278	0.02	55	68	0.01	2.84
apt-139	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACATCCCCTCTTTTGCCG	139	278	0.02	129	19	0.00	10.16
apt-140	GGCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAACGCGAC	140	273	0.02	125	20	0.00	9.48
apt-141	GGGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	141	273	0.02	151	16	0.00	11.85
apt-142	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCGCAGTCG	142	270	0.02	340	7	0.00	26.78
apt-143	GTGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	143	270	0.02	347	7	0.00	26.78
apt-144	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCACCATCTAGTGGT	144	268	0.02	160	15	0.00	12.41
apt-145	GGCGCAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCACACAGTCG	145	268	0.02	185	13	0.00	14.32
apt-146	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCACGGTTCG	146	267	0.02	174	14	0.00	13.24
apt-147	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCTGGTGGT	147	263	0.02	437	6	0.00	30.44
apt-148	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTGGTGGT	148	263	0.02	325	7	0.00	26.09
apt-149	CACGAAGGGCTGGCCAGGTTTCAGAGTCATACTCCAGTCG	149	260	0.02	153	15	0.00	12.04

apt-150	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCACAGCCG	150	258	0.02	201	12	0.00	14.93
apt-151	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGGCACTATCGCACAGTCG	151	251	0.02	186	13	0.00	13.41
apt-152	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGACATCTAGTGGT	152	250	0.02	5265	4	0.00	43.40
apt-153	GAGCAACGCGACTGTCTGGACCAATCTGACATCTAGTGGT	153	249	0.02	940	5	0.00	34.58
apt-154	GCGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	154	249	0.02	290	8	0.00	21.61
apt-155	GAGCAGCGCGACTGTCTGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	155	248	0.02	215	11	0.00	15.66
apt-156	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAATCTGACATCTAGTGGT	156	243	0.01	195	12	0.00	14.06
apt-157	GAGCAGCGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCTAGTGGT	157	240	0.01	946	5	0.00	33.33
apt-158	GGCGCAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTATCGCACAGTCG	158	240	0.01	466	6	0.00	27.78
apt-159	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCATCCCTTCTGCCG	159	239	0.01	300	8	0.00	20.74
apt-160	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGGA	160	238	0.01	115	22	0.00	7.51
apt-161	GGCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAGCGCGAC	161	234	0.01	83	36	0.00	4.51
apt-162	CACGGAGGGCTGGCCAGGCTTCAAGGTTGTGTTCCAGATG	162	229	0.01	182	13	0.00	12.23
apt-163	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAATCTGACGTCTGGTGGT	163	228	0.01	233	10	0.00	15.83
apt-164	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCTGCCATCTAGTGGT	164	228	0.01	326	7	0.00	22.62
apt-165	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGGA	165	227	0.01	219	11	0.00	14.33
apt-166	GGCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGGCGTAGCACTG	166	227	0.01	94	30	0.00	5.25
apt-167	GAGCAAGGCGACCTGGCCCACAAGCAAACCCACTTCGCCG	167	226	0.01	5259	4	0.00	39.23
apt-168	GCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGGCGTAGCACTGT	168	225	0.01	149	16	0.00	9.76
apt-169	CACGAAGGGCTGGCCGGGTTTCAGAGTCATACTCCAGATG	169	224	0.01	181	13	0.00	11.96
apt-170	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACTCCCTTTGCCA	170	223	0.01	164	15	0.00	10.32
apt-171	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACTCCCCCTACCG	171	222	0.01	205	12	0.00	12.85
apt-172	GAGCAGCGCGACTGTCCGGGCAATCCGCCATCTAGTGGT	172	219	0.01	198	12	0.00	12.67
apt-173	GGCGTAGCACTGTCCCCTCTGACACTATCGCACAGTCG	173	219	0.01	6794	4	0.00	38.02
apt-174	GCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAACGCGACT	174	218	0.01	161	15	0.00	10.09
apt-175	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATTCCTCCTACCG	175	215	0.01	204	12	0.00	12.44
apt-176	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCCGACATCTAGTGGT	176	211	0.01	167	14	0.00	10.47
apt-177	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAACCCGCCATCTAGTGGT	177	211	0.01	196	12	0.00	12.21
apt-178	GCGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	178	207	0.01	163	15	0.00	9.58
apt-179	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCCGACATCTAGTGGT	179	205	0.01	251	9	0.00	15.82
apt-180	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATAGGTCCGTTGGC	180	204	0.01	221	11	0.00	12.88
apt-181	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACCATCGCACAGTCG	181	203	0.01	470	6	0.00	23.49
apt-182	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATTGCACAGTCG	182	203	0.01	341	7	0.00	20.14
apt-183	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACACCGTTGCCA	183	200	0.01	168	14	0.00	9.92
apt-184	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACAACCCATTCTTCTGCCG	184	199	0.01	302	8	0.00	17.27
apt-185	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACACCTAGTGGT	185	198	0.01	139	17	0.00	8.09
apt-186	CCCGGAGGGATGGCCAGGCTCCAGAGTCGAACTCTAGACC	186	197	0.01	408	6	0.00	22.80
apt-187	CCCGGAGGGATGGCCAGGCTTCAGAGTCGAACTCTAGATC	187	197	0.01	409	6	0.00	22.80

apt-188	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCACAGTTG	188	196	0.01	202	12	0.00	11.34
apt-189	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCCAGTGGT	189	194	0.01	439	6	0.00	22.45
apt-190	GGCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGTGCGAAGCGCC	190	193	0.01	121	21	0.00	6.38
apt-191	GTGCGAAGCGCCTGGACTACACATCCCATTCCTTCTACCG	191	193	0.01	240	10	0.00	13.40
apt-192	GAGCAACGCGACTGTCTGAACGAATCTGACATCTGGTGAC	192	191	0.01	132	18	0.00	7.37
apt-193	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGGCATCTAGTGGT	193	189	0.01	194	12	0.00	10.94
apt-194	GAGCAACGCGACTGTCTGAGTCAACCTGACATCTAGTGGT	194	189	0.01	438	6	0.00	21.87
apt-195	GAGCAACGCGACTGTCTGGACCAATCTGACATCAAGTGGT	195	189	0.01	320	7	0.00	18.75
apt-196	GGCGTAGCACTGTCCCATCCCTGACACTATCGCACAGTCG	196	189	0.01	468	6	0.00	21.87
apt-197	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTGCATTCCACTCCTTCTGCCG	197	189	0.01	498	6	0.00	21.87
apt-198	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCGCACAGTCG	198	187	0.01	344	7	0.00	18.55
apt-199	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACGTCCCACTCTTTCTGCCG	199	184	0.01	126	20	0.00	6.39
apt-200	GAGCAACGCGACTGTCTTAACCAATCTGACATCTGGTGGT	200	183	0.01	184	13	0.00	9.77
apt-201	GAGCAGCGCGACTGTCCGAACCAAACTGACATCTAGTGGT	201	183	0.01	280	8	0.00	15.88
apt-202	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATTTAGTGGT	202	182	0.01	5249	4	0.00	31.59
apt-203	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTAACACTATCGCACACTCG	203	180	0.01	173	14	0.00	8.93
apt-204	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTAGC	204	178	0.01	257	9	0.00	13.73
apt-205	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCACCCCTTCTGCCG	205	178	0.01	349	7	0.00	17.66
apt-206	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATTCGCCATCTAGTGGT	206	177	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-207	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTAACACTATTTACAGTCG	207	176	0.01	222	11	0.00	11.11
apt-208	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACACCCCATTCCTTCTACCG	208	176	0.01	203	12	0.00	10.18
apt-209	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTTCGTTGGC	209	175	0.01	258	9	0.00	13.50
apt-210	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACACCCCGCTCTCTGTTCG	210	175	0.01	303	8	0.00	15.19
apt-211	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATTTAGTGGT	211	174	0.01	252	9	0.00	13.42
apt-212	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCTAATCCGCCATCTAGTGGT	212	173	0.01	5268	4	0.00	30.03
apt-213	GCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAGCGCGACT	213	173	0.01	135	18	0.00	6.67
apt-214	CACGAAGGGCTGGCCGGTTTCAAGGCTGTACTCCAGACC	214	172	0.01	130	18	0.00	6.64
apt-215	GCGAGGAACGAGCCTGGACACGTGCAATACGTCCGTCCGGT	215	172	0.01	74	45	0.00	2.65
apt-216	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGTCATCTAGTGGT	216	171	0.01	5267	4	0.00	29.69
apt-217	GACACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGCGAGGTACGAG	217	170	0.01	127	19	0.00	6.21
apt-218	GCACGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGTGCGAAGCGCCT	218	162	0.01	140	17	0.00	6.62
apt-219	GAGCAACGCGACTGTCTGGACCAATCTGGCGTCTGGTGGT	219	160	0.01	146	16	0.00	6.94
apt-220	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACATCCGTCGGC	220	157	0.01	120	21	0.00	5.19
apt-221	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCACACAGTCG	221	156	0.01	474	6	0.00	18.05
apt-222	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGCC	222	152	0.01	334	7	0.00	15.08
apt-223	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAATCTGACATCAAGTGGT	223	149	0.01	5256	4	0.00	25.87
apt-224	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGCGGT	224	149	0.01	324	7	0.00	14.78
apt-225	GGAGCAAGGCGACCTGGCCCACAAGCAAACCCACCTCGCC	225	149	0.01	1095	5	0.00	20.69

apt-226	CACGTAGGGCTGGCCGGGTCTCGGGATTGTACTACGGATG	226	148	0.01	118	21	0.00	4.89
apt-227	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACCCCCTCTGCCG	227	147	0.01	495	6	0.00	17.01
apt-228	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTGCATCCCACACCTTTTGTCCG	228	147	0.01	7668	4	0.00	25.52
apt-229	GTGCGAAGCGCCTGTACTGCACATCCCATTCCCTTCTACCG	229	147	0.01	1228	5	0.00	20.42
apt-230	GGCGTAGCACTGTCCCGTCCCTAACACTACCACACAGTCG	230	146	0.01	294	8	0.00	12.67
apt-231	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTGACACTATCGCACAGTCA	231	145	0.01	292	8	0.00	12.59
apt-232	CACGGAGGGCTGGCCGGGTCTCAGGATTGTACTACGGATG	232	144	0.01	188	12	0.00	8.33
apt-233	GAGCAGCGCGACTGTCTGGACCAATCTGACATTTAGTGGT	233	144	0.01	445	6	0.00	16.67
apt-234	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCGTTCCTTCTACCG	234	142	0.01	1225	5	0.00	19.72
apt-235	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTGCATCCCACCCCCTTCTGCCG	235	142	0.01	81283	3	0.00	32.87
apt-236	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCTACTCCCTCTACCG	236	141	0.01	288180	2	0.00	48.95
apt-237	GAGCAACGCGACTGTCCGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	237	139	0.01	934	5	0.00	19.30
apt-238	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTGACGCTATCGCACAGTCG	238	139	0.01	471	6	0.00	16.09
apt-239	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCTACTCCTTCTGCCG	239	139	0.01	81275	3	0.00	32.17
apt-240	GAGCAGCGCGACTGTCCAAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	240	138	0.01	54298	3	0.00	31.94
apt-241	GGCACATTGCAGGGGAGGTGGGTGGGGATGCATCGGCCCG	241	138	0.01	69422	3	0.00	31.94
apt-242	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTGACACTATCGCACAGTCG	242	138	0.01	1124	5	0.00	19.17
apt-243	GGCGTAGCACTGTCTTATTCTGACACTATCGCACAGTCG	243	138	0.01	1126	5	0.00	19.17
apt-244	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCTAGCGGT	244	135	0.01	319	7	0.00	13.39
apt-245	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATTCCCTCCACCG	245	134	0.01	267	9	0.00	10.34
apt-246	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAACTGACATCTAGTGGT	246	133	0.01	5247	4	0.00	23.09
apt-247	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTGACACTATCGCACTGTCCG	247	133	0.01	1122	5	0.00	18.47
apt-248	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTGACACTATCGCATAGTCG	248	133	0.01	6799	4	0.00	23.09
apt-249	GGCGTAGCACTGTCCCATTTCCGACACTATCGCACAGTCA	249	132	0.01	293	8	0.00	11.46
apt-250	GAGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATTCCCTTCTACCG	250	131	0.01	54490	3	0.00	30.32
apt-251	GTGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	251	130	0.01	266	9	0.00	10.03
apt-252	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACATCCCCTCCTTCTGCCG	252	130	0.01	358	7	0.00	12.90
apt-253	CCCGGAGGGATGGCCAGGCTTCAGGATCGTACTCTAGACG	253	129	0.01	231	10	0.00	8.96
apt-254	GTGCGAAGCGCCTGCACTGTACATCCCCTCCTTTTGTCCG	254	129	0.01	348	7	0.00	12.80
apt-255	CACGTAGGGCTGGCCGGTCTCCAGTGTCTTACTCCAGGCG	255	128	0.01	104	26	0.00	3.42
apt-256	CCCGAAGGGATGGCCGGTTCAGGATCGTACCCCATACC	256	128	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-257	GGCGTAGCACTGTCCCATTCCTAACACTACCGCACAGTCG	257	128	0.01	291	8	0.00	11.11
apt-258	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCCTCCTTCTGCCA	258	128	0.01	206	12	0.00	7.41
apt-259	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAATGGT	259	127	0.01	440	6	0.00	14.70
apt-260	GAGCAGCGTACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	260	127	0.01	54310	3	0.00	29.40
apt-261	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACATAATACATCCGTTGGC	261	126	0.01	288	8	0.00	10.94
apt-262	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCTACTCCTTCTACCG	262	126	0.01	7666	4	0.00	21.87
apt-263	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTGCATCCCACACCTTTTGTCCG	263	125	0.01	288195	2	0.00	43.40

apt-264	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACGTCAAGTGGT	264	124	0.01	249	9	0.00	9.57
apt-265	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCTCCATCTAGTGGT	265	124	0.01	945	5	0.00	17.22
apt-266	GAGCAGCGCGACTGTCTGAACCAACTTGGCATCTGGTGGT	266	124	0.01	5269	4	0.00	21.53
apt-267	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACATTATCGCACAGTCG	267	124	0.01	342	7	0.00	12.30
apt-268	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGATACTATCGCACAGTCG	268	124	0.01	472	6	0.00	14.35
apt-269	GAGCGGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	269	123	0.01	255	9	0.00	9.49
apt-270	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGCC	270	123	0.01	259	9	0.00	9.49
apt-271	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCATATCCCATTCCTTCTACCG	271	122	0.01	356	7	0.00	12.10
apt-272	CACGAAGGGCTGGCCGAGCTTCAAGGTTGTACTCTAGACC	272	121	0.01	243	9	0.00	9.34
apt-273	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACCCCTTCTGCCA	273	121	0.01	143	17	0.00	4.94
apt-274	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCTGGTGAT	274	119	0.01	248	9	0.00	9.18
apt-275	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCGATCTGACATCAAGTGGT	275	119	0.01	435	6	0.00	13.77
apt-276	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACCACCACACAGTCG	276	119	0.01	71413	3	0.00	27.54
apt-277	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCACTCCTTCCGCCG	277	118	0.01	1222	5	0.00	16.39
apt-278	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATTCCACTCCCCCTACCG	278	118	0.01	497	6	0.00	13.66
apt-279	CACGAAGGGCTGGCCGGTTCCAAGGCTGTACTCCAGACC	279	117	0.01	179	13	0.00	6.25
apt-280	GAGCAACGCGACTGTCTGAACGAATCTGGCATCTGGTGGT	280	117	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-281	GAGCAACGCGACTGCCTGAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	281	116	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-282	GCGAGGTACGAGCCTGGACACGCACAATACGTCCATTAGC	282	116	0.01	6032	4	0.00	20.14
apt-283	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCTACTCCTTCTGCCA	283	116	0.01	177	14	0.00	5.75
apt-284	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATCCCTTCTACCG	284	115	0.01	81273	3	0.00	26.62
apt-285	GAGCAGCGCGACTGTCCGAACCAAAGTACATCTGGTGGT	285	114	0.01	54299	3	0.00	26.39
apt-286	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCGACCTGACATCTAGTGGT	286	113	0.01	939	5	0.00	15.69
apt-287	GAGCAGCGCGACTGTCCGAACCAAAGTACATCAAGTGGT	287	113	0.01	279	8	0.00	9.81
apt-288	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTACTGGT	288	113	0.01	441	6	0.00	13.08
apt-289	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACGTCTGGTGGT	289	112	0.01	54219	3	0.00	25.92
apt-290	GCGAGGTACGAGCCTGGACACGCACAATACGTCCATTGGC	290	112	0.01	6033	4	0.00	19.44
apt-291	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCACACAGCCG	291	112	0.01	475	6	0.00	12.96
apt-292	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCTAACCTGACATCTAGTGGT	292	111	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-293	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACATCCATTGGC	293	111	0.01	285	8	0.00	9.63
apt-294	GGCGTAGCACTGTCCCATTTCTGACACTATCGCACAGTCG	294	111	0.01	71410	3	0.00	25.69
apt-295	GGCGTAGCACTGTCCCGCTCCTAACACTACCACACAGTCG	295	111	0.01	71412	3	0.00	25.69
apt-296	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACCCCTTCTACCG	296	111	0.01	81277	3	0.00	25.69
apt-297	CACGAAGGGCTGGCCGAGCTTCAGGATCATACTCCAGGTC	297	109	0.01	225	10	0.00	7.57
apt-298	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACATCCCGCTCCTTCTGCCG	298	108	0.01	81289	3	0.00	25.00
apt-299	GACGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCACAGTCG	299	107	0.01	317	7	0.00	10.61
apt-300	GGCGTAGCACTGCCCATTCCTGACACTATCGCACAGTCG	300	107	0.01	6792	4	0.00	18.57
apt-301	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTGCATCCCACTCCCTCTACCG	301	106	0.01	81284	3	0.00	24.54

apt-302	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCTATCTAGTGGT	302	105	0.01	442	6	0.00	12.15
apt-303	GAGCAGCGCGACTGTCTGAACCAATCCGCCATCTAGTGGT	303	105	0.01	54306	3	0.00	24.30
apt-304	GAGCAACGCGACTGTCTGAAGCAATCTGGCATCTGGTGGT	304	104	0.01	436	6	0.00	12.04
apt-305	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAGCCTGACATCTAGTGGT	305	104	0.01	5258	4	0.00	18.05
apt-306	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCAAGTGGT	306	104	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-307	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCACACGGTTCG	307	104	0.01	343	7	0.00	10.32
apt-308	CACGAAGGGCTGGCCGAGCTCCAGGATCGTATTCCAGTTC	308	103	0.01	207	11	0.00	6.50
apt-309	GGCGTAGCACTGTCCATTCTGACACTGTCGCACAGTCG	309	103	0.01	6802	4	0.00	17.88
apt-310	GCGAGGAACGAGCCTGGACACGTGCAATACGTCCGTTGGC	310	101	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-311	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACGTCCCACTCCCTCTACCG	311	101	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-312	GTTGCGAAAGACAACGAATGCTTTGCCTGCCATAATTTGC	312	101	0.01	310455	2	0.00	35.07
apt-313	CCCGGAGGGATGGCCAGGCTTCAGGGTCGTA CTCCAGACC	313	99	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-314	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACGTCCATTCTCTACCG	314	99	0.01	355	7	0.00	9.82
apt-315	CACGGAGGGCTGGCCAGGCTTCAATGTCATACTCCAGACG	315	98	0.01	79	38	0.00	1.79
apt-316	CACGTAGGGCTGGCCGGTTTCAGAGTCATACTCCAGTCG	316	98	0.01	191	12	0.00	5.67
apt-317	GAGCAGCGCGACTGCCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	317	98	0.01	278	8	0.00	8.51
apt-318	GGGAGGTGGCGGGTGTACGTGCCACGCTTTCGTGTATG	318	98	0.01	223	11	0.00	6.19
apt-319	CACGTAGGGCTGGCCAGGCTTCAAGATCGTGCTCCAGATG	319	97	0.01	227	10	0.00	6.74
apt-320	GAGCAACGCGACTGTCTGAAACAATCTGGCATCTAGTGGT	320	97	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-321	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGACATCCAGTGGT	321	97	0.01	937	5	0.00	13.47
apt-322	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAACCTGACATCTGGTGGT	322	96	0.01	5246	4	0.00	16.67
apt-323	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACGTCTAGTGGT	323	96	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-324	GAGCAGCGCGACTGTCTGAACCAATCCGACATCTGGTGGT	324	96	0.01	444	6	0.00	11.11
apt-325	GTGCGAAGCGCCTGTACTGTACACCTCACTCCCTCTACCG	325	96	0.01	81286	3	0.00	22.22
apt-326	GAGCAACGCGACTGTCCGAACCAATCCGCCATCTAGTGGT	326	95	0.01	54205	3	0.00	21.99
apt-327	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACATCCGTTACC	327	95	0.01	217	11	0.00	6.00
apt-328	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACACCCCACTCCTTCTGCCG	328	95	0.01	288153	2	0.00	32.98
apt-329	CACGAAGGGCTGGCCGGTCTCAGAGTCATACTCCAGACG	329	94	0.01	72	46	0.00	1.42
apt-330	GAGCAACGCGACTGTCTAAGCCAACCTGACATCTAGTGGT	330	94	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-331	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCACTCCTTTTGCCA	331	94	0.01	81271	3	0.00	21.76
apt-332	GCAACGTGGTGTGCAATACTCATGGACAGGAGCAACGCG	332	93	0.01	972	5	0.00	12.92
apt-333	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCCGCCATCTAGTGGT	333	92	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-334	GCGAGGCACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGGA	334	92	0.01	102	27	0.00	2.37
apt-335	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCGTTGCC	335	92	0.01	237	10	0.00	6.39
apt-336	GGCGTAGCACTGTCCATTCTGACACTATCGTACAGTCG	336	92	0.01	1123	5	0.00	12.78
apt-337	CACGAAGGGCTGGCCGAGCTTCAGAGTCGAACTCTAGACC	337	91	0.01	381	6	0.00	10.53
apt-338	CACGAAGGGCTGGCCGGTACGGTGTGTACTCTAGACC	338	91	0.01	305	7	0.00	9.03
apt-339	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACACAATACTCATGGACAG	339	91	0.01	220	11	0.00	5.74

apt-340	GACGTGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGAGCAACGCGAC	340	90	0.01	5185	4	0.00	15.62
apt-341	GAGCAACGCGACTGTCCGGACCAATCTGGCATCTAGTGGT	341	90	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-342	GAGCAACGCGACTGTCTAAACCAATCTGACATCAAGTGGT	342	90	0.01	54207	3	0.00	20.83
apt-343	GTGGTCGGGGTGGGTGGTGGGTTTGTATTGCCTGTCGACG	343	90	0.01	34	117	0.01	0.53
apt-344	GACGTGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGGCGTAGCACTG	344	89	0.01	318	7	0.00	8.83
apt-345	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCCGACATCAAGTGGT	345	89	0.01	5248	4	0.00	15.45
apt-346	GAGCAGCGCGACTGTCCGAACCAATCTGACATCAAGTGGT	346	89	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-347	GAGCAGCGCGACTGTCCGGACCAATCTGGCATCTGGTGGT	347	89	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-348	GCAACGTGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGGCGTAGCAC	348	89	0.01	281	8	0.00	7.73
apt-349	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATACGTCCGTTGCC	349	89	0.01	63107	3	0.00	20.60
apt-350	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACATAATACGTCCGTTAGC	350	89	0.01	63172	3	0.00	20.60
apt-351	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCACTCTTTCTGCCG	351	89	0.01	288161	2	0.00	30.90
apt-352	CACGAAGGGCTGGCCGAGCTTCAGGGTCGTACTCCAGACC	352	88	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-353	GAGCAACGCGACTGTCTGAATCAACCTGACATCTAGTGGT	353	88	0.01	5250	4	0.00	15.28
apt-354	GAGCAGCGCGACTATCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	354	88	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-355	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCACTCCTCCTGCCG	355	88	0.01	7652	4	0.00	15.28
apt-356	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACACCCCACTCCCTCTACCG	356	88	0.01	357	7	0.00	8.73
apt-357	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAGCACTACCACACAGTCG	357	87	0.01	1125	5	0.00	12.08
apt-358	GGGAGGCGGGTGGGTCGTCGGGGTGCCTCGTTCTGTGTGC	358	86	0.01	295	8	0.00	7.46
apt-359	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTGCATCCCACTTCTGCCA	359	86	0.01	301	8	0.00	7.46
apt-360	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGG	360	85	0.01	197	12	0.00	4.92
apt-361	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCACCGTCCG	361	85	0.01	71409	3	0.00	19.67
apt-362	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCACGCAGTCG	362	85	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-363	CACGAAGGGCTGGCCGAACCTCAGGGTCGTACTCCAGACC	363	84	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-364	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAAACCTGACATCTGGCGGT	364	84	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-365	GCGAGGTACGAGCCTGGACACACGCAATACGTCCATTGGC	365	84	0.01	289	8	0.00	7.29
apt-366	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCGCATCCCATTCCTTCTACCG	366	84	0.01	299	8	0.00	7.29
apt-367	CACGAAGGGCTGGCCGGGTTTCAGGATTGTACTACGATG	367	83	0.01	23916	3	0.00	19.21
apt-368	CACGAAGGGCTGGCCGGGTTTCAGGGTCATACACCAGTCA	368	83	0.01	117	21	0.00	2.74
apt-369	GACGGGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGCGAGGTACGAG	369	83	0.01	232	10	0.00	5.76
apt-370	GCGAGGAACGAGCCTGGACACACACAATAGGTCCGTTGGC	370	83	0.01	332	7	0.00	8.23
apt-371	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTAACACTATCGCACAATCG	371	83	0.01	469	6	0.00	9.61
apt-372	GGCGTAGCACTGTCTCATTCTGACACTATCGCACAGTCG	372	83	0.01	1128	5	0.00	11.53
apt-373	GGGACGGAACGGACCCTGCCAACACAAGCCGAATGTGCC	373	83	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-374	CACGGAGGGCTGGCCAGGCTTCAAGGTTGTGCTCCAGATG	374	82	0.01	155	15	0.00	3.80
apt-375	CACGTAGGGCTGGCCAGGCTTCAAGGCTATACTCCAGACC	375	82	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-376	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCTGGCGGT	376	82	0.01	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-377	GAGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACTCCCTCTACCG	377	82	0.01	950	5	0.00	11.39

apt-378	GGCGTAGCACTGTCCTGTTCCCTAACACTACCACACAGTCG	378	82	0.01	71423	3	0.00	18.98
apt-379	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCCTCCCTCCACCG	379	82	0.01	1227	5	0.00	11.39
apt-380	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCCGGCATCTAGTGGT	380	81	0.00	54212	3	0.00	18.75
apt-381	GCGAGGAACGAGCCTGGACACGCACAATACGTCCGTTGGC	381	81	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-382	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCCTCTTTTGCCG	382	81	0.00	351	7	0.00	8.04
apt-383	GTGCGAAGCGCCTGGACTGCACATCCCATTCCTTCGACCG	383	81	0.00	352	7	0.00	8.04
apt-384	GAGCAACGCGACTGTCTGAACCAATCTGACATCGAGTGGT	384	80	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-385	GAGCAACGCGACTGTCTGAGCCAACCTGATATCTAGTGGT	385	80	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-386	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTAGT	386	80	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-387	GAGCAGCGCGACTGTCCGAGCCAGTCCGCCATCTAGTGGT	387	80	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-388	GGAGCAAGGCGACCTGGCCACAAACAAACCCACTTCGCC	388	80	0.00	149952	2	0.00	27.78
apt-389	GGCGTAGCACTGTCCCATTCTGACACTATCGCACAATCG	389	80	0.00	71408	3	0.00	18.52
apt-390	GTGCGAAGCGCCTGGACTGTACATCCCACCCCTTCTACCG	390	80	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-391	GAGCAGAGCGACTGTCCGAGCCAATCCGCCATCTAGTGGT	391	79	0.00	54290	3	0.00	18.29
apt-392	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACATTACCACACAGTCG	392	79	0.00	182332	2	0.00	27.43
apt-393	GAGCAACGCGACTGTCCGAACCAATCTGACATCAAGTGGT	393	78	0.00	933	5	0.00	10.83
apt-394	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTACCACACAGTCA	394	78	0.00	71416	3	0.00	18.05
apt-395	GGCGTAGCACTGTCCCGTTCCTAACACTATCGCACAGTCA	395	78	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-396	CACGGAGGGCTGGCCAGGCTTCAGGGCTATACTCCAGACC	396	76	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-397	GACGTGGTGCTGCAATACTCATGGACAGGTGCGAAGCGCC	397	76	0.00	432	6	0.00	8.80
apt-398	GGCGCAAGGCGACCTGGCCACAAGCAAACCCACTTCGCC	398	76	0.00	N/A	#N/A	N/A	#VALUE!
apt-399	GGGAGGCGGGTGGGTTCGTCGGGGTGTGTCTGTGTGG	399	76	0.00	345	7	0.00	7.54